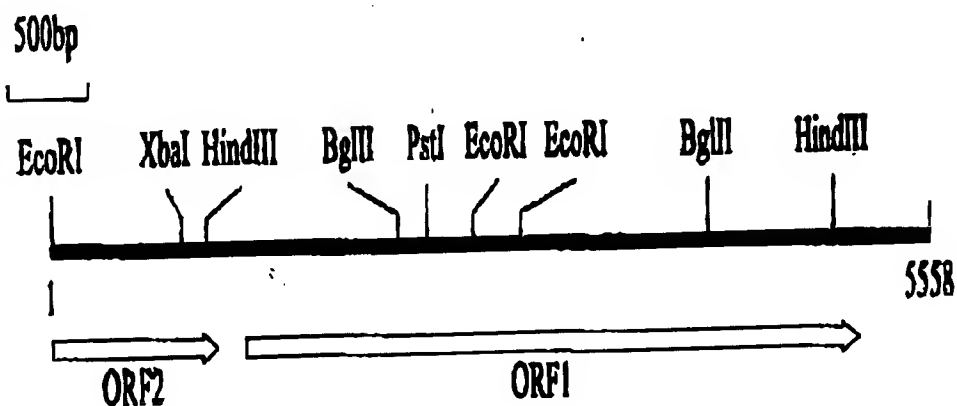


Fig 1



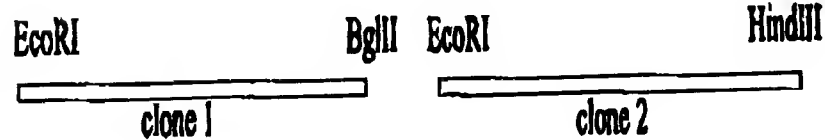
2)



b)



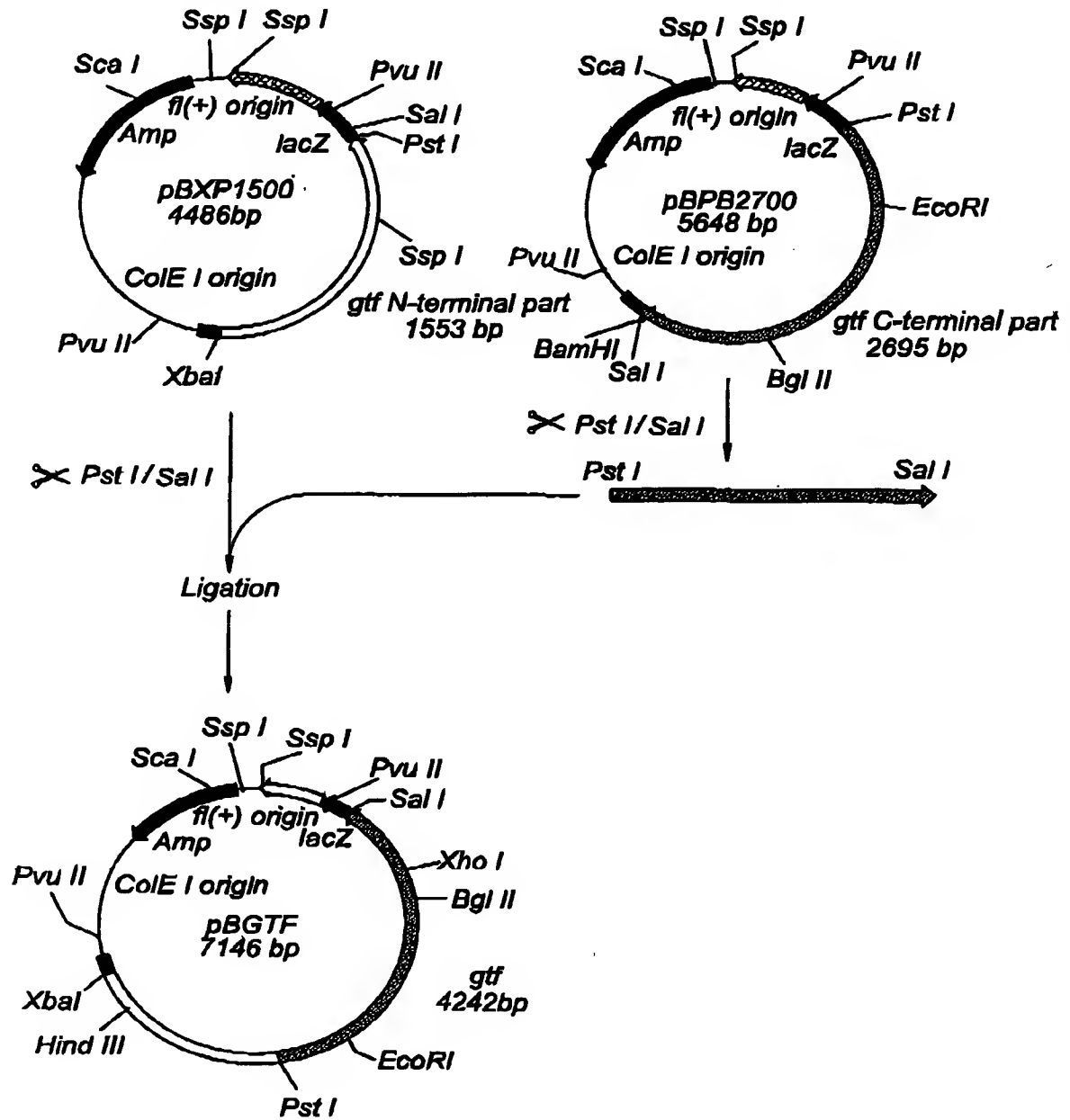
c)



d)



Fig 2



0005749 112901

Fig.3.1

3/17

1 ATACATATTTTGGGCTTCTTTTTTTGTTTAAACTGTAAATTGGAATTTATTTGAAAAA
 1 Y I F W A S F F V * N C K F E F Y L K K
 -35 -10
 61 ATTTTGGCTAGAATTGAAATTCCTTTGAAAAATAAACATCATAGTATTATAATAC
 21 F W L E F E N S L * K N K T S * Y Y N T
 RBS start
 121 CGATAATCAAATTGTTTATTTTATATGAAGGAGATTAAATGGAAATAAAGAAACATTT
 41 D N Q I V Y F D M K E I K M E I K K H F
 181 TAAGTTGTACAAAGCGGCAACAATGGGTAACAGCAGCAGTGGCTACCGTTGCCGTTTC
 61 K L Y K S G K Q W V T A A V A T V A V S
 241 AAETGCGCTTCTTTACGGAGGAGTTGCGCATGCTGACCAACAAGTTCAGCAAGCTTCCAC
 81 T A L L Y G G V A H A D Q Q V Q Q A S T
 301 GACTCAAGACCAAACCTTCTACCGTAAATAATGATACTGATAAACAGTAGCTTTAGATAC
 101 T Q D Q T S T V N N D T D K T V A L D T
 361 TAATACTGACCAGTCAGCTCAAACAACGATAAAAAACAAGTAGTATCAAATACTAACCA
 121 N T D Q S A Q T T D K K Q V V S N T N Q
 421 AAGCAAACTGATGACACTTCAACAGCTGATAAGAATTCTACTTCTACACCTGTTTCTGT
 141 S K T D D T S T A D K N S T S T P V S V
 481 TTTGCCATCTAATAATACTGAAAAACAAGCTAAAAATTATAATGAGCAAGACAAAGGAAA
 161 L P S N N T E K Q A K N Y N E Q D K G N
 541 CTATGGGAATATTGATACTGCTTACTTTAGCAATAATCAATTGCATGTTTCAGGATGGAA
 181 Y G N I D T A Y F S N N Q L H V S G W N
 601 TGCAACGAACGCATCTCAAGGAACAAACAGTCGACAAATCATTGTGCGTGATATCACAAC
 201 A T N A S Q G T N S R Q I I V R D I T T
 661 CAATAATGAATTAGGTCGCACTGATGTAACAAACAATGTTGCACGCCAGACGTTAAGAA
 221 N N E L G R T D V T N N V A R P D V K N

0953749.4794

4/17

Fig.3.2

```

721  TGTTCATAATGTTTATAACGCTGATAATTCTGGATTGATGTTAATGTCAATATTGACTT
241  V H N V Y N A D N S G F D V N V N I D F

781  TAGCAAGATGAAAGATTATCGGGATTCAATTGAAATTGTTAGTCGATACAGTGGAAACGG
261  S K M K D Y R D S I E I V S R Y S G N G

841  TAAATCTGTTGACTGGTGGTCCCAACCGATCACTTTTGACAAAAACAACCTATGCTTATCT
281  K S V D W W S Q P I T F D K N N Y A Y L

901  TGATACATTTGAAGTGAAAAATGGCGAATTACATGCAACCGGATGGAATGCTACTAATAG
301  D T F E V K N G E L H A T G W N A T N S

961  TCGGATTAAGTATAATCACCATTTTGTGATTTTGTGTTGATCAAACGAATGGTAAAGAAGT
321  A I N Y N H H F V I L F D Q T N G K E V

1021 AGCACGACAAGAAGTTCGTGAAGGTCAATCAGCCCCAGATGTTGCTAAGGTATATCCACA
341  A R Q E V R E G Q S R P D V A K V Y P Q

1081 AGTAGTTGGTGCTGCCAACTCAGGCTTTAATGTGACATTTAATATCAGTGATTTAGATTA
361  V V G A A N S G F N V T F N I S D L D Y

1141 TACTCACCAGTACCAAGTTCTTAGTCGTTACAGCAATTCTGATAATGGCGAAGGTGATAA
381  T H Q Y Q V L S R Y S N S D N G E G D N

1201 CGTTACCTACTGGTTTAATCCACAATCCATTGCTCCTGCTAATCAAAGTAACCAGGGTTA
401  V T Y W F N P Q S I A P A N Q S N Q G Y

1261 TCTAGACTCATTTGATATTAGTAAAAATGGTGAAGTAACAGTAACCTGGATGGAACGCTAC
421  L D S F D I S K N G E V T V T G W N A T

1321 TGACTTGTGAGAATTACAAAACAACCATTATGTGATTCTATTTGATCAGACAGCAGGCAA
441  D L S E L Q N N H Y V I L F D Q T A G K

```

1381 ACAAGTTGCATCTGCTAAAGCTGATTTAATTTACGTCAGATGTTGCTAAAGCTTATCC
461 Q V A S A K A D L I S R P D V A K A Y P

1441 AACAGTAAAAACAGCTACAAATTTCTGGCTTCAAGGTAACATTTAAGGTTAATAACTTACA
481 T V K T A T N S G F K V T F K V N N L Q

1501 ACCGGGTCACCAATACAGCGTTGTAAGTCGTTTCTCTGCCGATGAAAATGGTAATGGTAA
501 P G H Q Y S V V S R F S A D E N G N G N

1561 TGATAAGCGCCATACAGATTACTGGTTTAGTCCAGTAATATTAACCAGACTGCTTCAAA
521 D K R H T D Y W F S P V I L N Q T A S N

1621 CATTGATACTATTACAATGACATCTAATGGTTTACATATTGCAGGTTGGATGGCAAGTGA
541 I D T I T M T S N G L H I A G W M A S D

1681 TAACTCAATTAATGAAACAACCTCCATACGCTATTATCCTCAATAATGGAAAAGAAGTTAC
561 N S I N E T T P Y A I I L N N G K E V T

1741 TCGTCAAAGATGAGCTTAACCGCCCGTCCAGATGTAGCAGCAGTATATCCTTCACITTA
581 R Q K M S L T A R P D V A A V Y P S L Y

1801 TAATAGTGCTGTTAGTGGTTTTGACACTACTATTAAATTGACTAATGATCAATATCAAGC
601 N S A V S G F D T T I K L T N D Q Y Q A

1861 GCTTAATGGCCAATTACAAGTATTGTTACGTTTTTCTAAAGCTGCTGATGGTAATCCAAG
621 L N G Q L Q V L L R F S K A A D G N P S

1921 TGGTGATAATACTGTAAGTATCAATTTAGTAAAAATTATGCAACTACTGGTGGAAACTT
641 G D N T V T D Q F S K N Y A T T G G N F

1981 TGACTATGTAAAAGTAAATGGTAATCAAGTTGAATTTAGTGGTTGGCACGCAACTAACCA
661 D Y V K V N G N Q V E F S G W H A T N Q

Fig.3.4

2041 ATCAAATGATAAAGATTACAAATGGATTATTGTTTATGTTAATGGTAAGGAAGTAAAGCG
681 S N D K D S Q W I I V L V N G K E V K R

2101 TCAATTAGTTAATGATACTAAAGAGGGAGCTGCTGGCTTCAACCGAACGATGTCTACAA
701 Q L V N D T K E G A A G F N R N D V Y K

2161 AGTAAATCCAGCTATTGAAAACAGTTCTATGTCTGGATTCCAAGGCATTATTACTTTACC
721 V N P A I E N S S M S G F Q G I I T L P

2221 TGTGACAGTTAAAAACGAAATGTCCAACCTTGTTTCATCGGTTTAGTAACGATGTGAAGAC
741 V T V K N E N V Q L V H R F S N D V K T

2281 TGSTGAAGGTAACCTATGTTGATTTCTGGTCAGAGCTAATGCCTGTTAAGGATAGCTTCCA
761 G E G N Y V D F W S E L M P V K D S F Q

2341 AAAGGGGAATGGCCCACTTAAGCAATTGGCTTACAACTATTAACGGTCAACAATATTA
781 K G N G P L K Q F G L Q T I N G Q Q Y Y

2401 TATTGACCCAACAACCTGGTCAACCACGTAAGAATTTCTTATTACAAAGTGGAAATAATTG
801 I D P T T G Q P R K N F L L Q S G N N W

2461 GATTTACTTTGATAGTGATACTGGTGTGGGTACTAATGCACCTGAATTACAATTTGCAAA
821 I Y F D S D T G V G T N A L E L Q F A K

2521 GGGAACTGTTTCATCTAATGAACAATACCGTAACGGTAATGCAGCTTACAGTTATGATGA
841 G T V S S N E Q Y R N G N A A Y S Y D D

2581 CAAGAGTATCGAAAATGTAAATGGTTACTTAAACAGCAGATACATGGTACCGTCCAAAACA
861 K S I E N V N G Y L T A D T W Y R P K Q

2641 GATCTTAAAGGATGGAACCTACCTGGACTGACTCAAAGAAACAGATATGCGACCAATCTT
881 I L K D G T T W T D S K E T D M R P I L

2701 GATGGTATGGTGGCCTAATACTCTTACCCAAGCATACTACCTTAATTACATGAAACAACA

7/17

Fig.3.5

901 M V W W P N T L T Q A Y Y L N Y M K Q H
2761 TGGTAATTTATTACCATCTGCTTTACCATTCTTTAATGCGGATGCTGATCCTGCAGAATT
921 G N L L P S A L P F F N A D A D P A E L
2821 AAATCATTATTCCGAAATTGTGCAACAAATATTGAAAAACGAATTAGTGAAACCGGAAA
941 N H Y S E I V Q Q N I E K R I S E T G N
2881 TACTGATTGGTTACGTACTTTAATGCACGATTTTGTACTAACAATCCGATGTGGAATAA
961 T D W L R T L M H D F V T N N P M W N K
2941 GGATAGTGAAAATGTAACTTTAGTGGTATTCAATTCCAAGGCGGATTCTTAAAGTATGA
981 D S E N V N F S G I Q F Q G G F L K Y E
3001 AAATCAGATTTAACGCCCTTATGCTAACTCTGATTATCGCTTACTTGGTCGGATGCCAAT
1001 N S D L T P Y A N S D Y R L L G R M P I
3061 CAATATTAAGGATCAAACATATCGGGGACAAGAATTCCTACTTGCTAACGATATTGATAA
1021 N I K D Q T Y R G Q E F L L A N D I D N
3121 CTCTAATCCTGTTGTTCAAGCAGAACAATTAACTGGTTATACTATCTCTTGAACCTTGG
1041 S N P V V Q A E Q L N W L Y Y L L N F G
3181 AACGATCACAGCTAATAATGATCAAGCTAATTTTGATTCTGTACGGGTAGATGCACCGGA
1061 T I T A N N D Q A N F D S V R V D A P D
3241 TAATATTGATGCCGATCTTATGAATATCGCTCAGGACTACTTTAATGCTGCATATGGTAT
1081 N I D A D L M N I A Q D Y F N A A Y G M
3301 GGAATCAGATGCTGTCTCAAATAAGCATATTAATATTCTTGAAGACTGGAATCATGCTGA
1101 D S D A V S N K H I N I L E D W N H A D
3361 TCCGGAATACTTTAATAAGATCGGAAATCCACAATTGACAATGGATGATACTATTAAGAA
1121 P E Y F N K I G N P Q L T M D D T I K N

0995749.112901

8/17

Fig. 3.6

3421 TTCCCTGAATCATGGGCTTTCAGATGCAACTAATCGTTGGGGATTAGATGCAATTGTTCA
1141 S L N H G L S D A T N R W G L D A I V H

3481 TCAGTCATTAGCTGATCGTGAAAATAATTCCACGGAAAATGTTGTAATTCCTAATTACAG
1161 Q S L A D R E N N S T E N V V I P N Y S

3541 TTTCGTTCTGGGCTCACGATAATAATTCTCAAGATCAAATTCAAAATGCTATTCGTGATGT
1181 F V R A H D N N S Q D Q I Q N A I R D V

3601 AACAGGCAAAGATTACCATACTTTCACTTTTGAAGATGAGCAAAGGGTATTGATGCGTA
1201 T G K D Y H T F T F E D E Q K G I D A Y

3661 CATTCAAGATCAAATTC AACAGTGAAGAAATATAACCTTTATAATATTCCGGCTTCATA
1221 I Q D Q N S T V K K Y N L Y N I P A S Y

3721 CGCAATTCTTTTAACTAACAAGGATACAATTCCACGTGTATACTATGGTGACTTGTATAC
1241 A I L L T N K D T I P R V Y Y G D L Y T

3781 TGATGGTGGCCAATACATGGAACATCAAACACGTTACTATGATACTTTAACGAACCTGCT
1261 D G G Q Y M E H Q T R Y Y D T L T N L L

3841 TAAATCACGAGTTAAGTATGTTGCCGGTGGCCAATCAATGCAAACAATGAGCGTTGGCGG
1281 K S R V K Y V A G G Q S M Q T M S V G G

3901 CAATAATAACATTTTAACTAGTGTTTCGTTATGGTAAAGGTGCGATGACAGCTACTGATAC
1301 N N N I L T S V R Y G K G A M T A T D T

3961 TGGTACTGATGAAACCAGAACACAAGGTATTGGGGTTGTTGTAAGTAATACGCCAAATCT
1321 G T D E T R T Q G I G V V V S N T P N L

4021 AAAGCTAGGTGTCAACGATAAAGTAGTTCTTCATATGGGAGCTGCGCACAAGAACCAACA
1341 K L G V N D K V V L H M G A A H K N Q Q

9/17

Fig.3.7

4081 ATATCGGGCAGCCGTGTTGACGACAACCTGATGGAGTCATTAATTATACTTCTGATCAAGG
1361 Y R A A V L T T T D G V I N Y T S D Q G

4141 GGCACCGGTTGCAATGACTGACGAGAACGGTGATCTATACTTATCTAGTCATAACCTAGT
1381 A P V A M T D E N G D L Y L S S H N L V

4201 TGTTAATGGTAAAGAAGAAGCAGATACAGCTGTTCAAGGTTATGCTAACCCCTGATGTTTC
1401 V N G K E E A D T A V Q G Y A N P D V S

4261 AGGATATCTTGCTGTATGGGTACCAGTTGGAGCAAGTGATAACCAAGATGCTCGAACTGC
1421 G Y L A V W V P V G A S D N Q D A R T A

4321 TCCATCTACTGAAAAGAATAGTGGTAACTCTGCATACAGAACAAATGCTGCTTTTGATTCT
1441 P S T E K N S G N S A Y R T N A A F D S

4381 AAATGTTATTTTTGAAGCCTTTTCTAACTTTGTCTATACACCAACAAAGGAAAGTGAACG
1461 N V I F E A F S N F V Y T P T K E S E R

4441 TGCTAATGTTCGAATTGCCCAAATGCTGATTTCTTTGCTTCATTAGGTTTTACTTCTTT
1481 A N V R I A Q N A D F F A S L G F T S F

4501 CGAGATGGCGCCACAATATAATTCAAGTAAAGATCGCACATTCCTAGATTCAACAATTGA
1501 E M A P Q Y N S S K D R T F L D S T I D

4561 TAACGGATATGCGTTTACTGATCGTTATGATCTTGGAAATGAGTGAGCCTAATAAGTACGG
1521 N G Y A F T D R Y D L G M S E P N K Y G

4621 AACAGATGAAGATCTACGTAATGCCATTCAAGCGCTCCATAAAGCTGGCTTACAAGTAAT
1541 T D E D L R N A I Q A L H K A G L Q V M

4681 GGCGGATTGGGTTCCCTGACCAAATCTATAACCTTCCTGGAAAAGAAGTTGCTACAGTCAC
1561 A D W V P D Q I Y N L P G K E V A T V T

4741 TCGAGTAGATGATCGTGGTAATGTATGGAAAGATGCTATCATTAATAATAATCTGTATGT
1581 R V D D R G N V W K D A I I N N N L Y V

4801 TGTTAATACTATTGGTGGTGGCGAATACCAGAAGAAGTATGGTGGAGCATTCCCTCGATAA
1601 V N T I G G G E Y Q K K Y G G A F L D K

4861 GTTACAAAACTTTATCCTGAAATCTTCACAAAGAAGCAAGTTTCAACTGGTGTGCTAT
1621 L Q K L Y P E I F T K K Q V S T G V A I

4921 TGATCCTTCACAAAAGATAACTGAATGGTCAGCAAAATACTTTAATGGAACAAACATTCT
1641 D P S Q K I T E W S A K Y F N G T N I L

4981 CCATCGTGGTTCTGGTTATGTACTAAAAGCTGATGGTGGTCAATACTACAACCTTAGGTAC
1661 H R G S G Y V L K A D G G Q Y Y N L G T

5041 TACTACAAAGCAATTCTTGCCAATTCAATTAAGTGGTAAAAGAAACAAGGAAATGAAGG
1681 T T K Q F L P I Q L T G E K K Q G N E G

5101 CTTTGTTAAGGGTAATGATGGAAATTACTACTTCTATGACTTAGCAGGTAATATGGTTAA
1701 F V K G N D G N Y Y F Y D L A G N M V K

5161 GAATACCTTTATTGAAGATAGTGTTGGCAACTGGTACTTCTTTGACCAAGATGGTAAGAT
1721 N T F I E D S V G N W Y F F D Q D G K M

5221 GGTGAAAATAAACATTTTCGTTGATGTTGATTCTTATGGTGAAAAAGGTACTTACTTCTT
1741 V E N K H F V D V D S Y G E K G T Y F F

5281 CTTGAAGAATGGTGTATCATTCCGTGGGGGATTAGTGCAAACTGACAATGGTACTTATTA
1761 L K N G V S F R G G L V Q T D N G T Y Y

5341 CTTTGATAATTATGGAAAGATGGTACGTAATCAAACCTATTAATGCAGGTGCCATGATTTA
1781 F D N Y G K M V R N Q T I N A G A M I Y

5401 TACCTTAGATGAAAACGGTAAGCTTATAAAGGCTAGTTATAATTCAGATGCCGAATATCC
1801 T L D E N G K L I K A S Y N S D A E Y P

Fig.3.9

5461 AACTTCAACTGATGTTGGTAAGATGCTTGATCAAAATAAACTATAAATGGAAATAATTAG
 1821 T S T D V G K M L D Q N K L * M E I I S
 5521 CTGATTTCCGTTTCTTAGAATCGAAAGATTTAATAACTGGGGTTAAACGGCCCTACAAA
 1841 * F P F L R I E R F N N W G * N G P T K
 5581 ATCTGATATTGATATAGAGATATTATTTCTATATCAATATCAGATTTTGGCTTTTATA
 1861 S D I D I E I L F P I S I S D F C F L *
 5641 AAATTGATTGTGACTAATAAGAATCCGGAAGATAACGTTGTTGTTATATCAGTGGATTTA
 1881 N * L * L I R I R K I T L L L Y Q W I *
 5701 AGCAACATGAATTAATTGAAGATGACGGCAATGATTAAAAGTCGGTCTGATGATTATTGA
 1901 A T * I N * R * R Q * L K V G L M I I D
 5761 TGTATTACTAGTATTTGGTTTTTATCATTATATTTTACTGTTATTGGTGTCTATATATT
 1921 V L L V F G F Y H L Y F Y C Y W C H I F
 5821 CCACAATAACAGTAAAGGTATATATGCTAGTTTATTTTTTAAAGTAATTATAATATTCTGA
 1941 H N N S K G I Y A S L F F K * L * Y S D
 5881 TTATAATTTGGAAATATTCGCTTTTAGCAAAAAGGTAGTAAACAGATCAGAATCGTCATT
 1961 Y N L E I F A F S K K V V N R S E S S F
 5941 CTGCTTTTCTACTACTAAAAGTCTGTTTTAAATTCTAAACTAAAATAGGCTAAACACTGA
 1981 C F S T T K S L F * I L N * N R L N T D
 6001 TGTTTATCATTATATTTTTTACTGTT
 2001 V Y H L Y F Y C

099549-1204
 10521-6425650

[illegible]

AS 262 QWDLN 266 -----H3----- . 290 IVRMDAVAFI 298 --E4- -----H4--

GTFD	KDASNKNEIRSGLEPVITNSLN-----NRS AEGKN SERMANYI FIRA	582
DSRS	---SD---IRGTMQRFDVYIMV-----DRSNDSTENEAI PNYSFVRA	660
ASR	N-RSN----MWYFLDTGYLNGDLNKKIVDKNRPN SGTLVNRIANS GDTKVIPNYSFVRA	765
GTFA	D-ATN----RWGLDAIVHQS-----LADRENNSTENVVIPNYSFVRA	601
	*	** * **

AS 396 FVRS
-----H6----- --E7--



AS HD401 -----H7-----

AS 488GLPRIYLGD496
H7- --E8- -----H8-----

GTFD	IVNMGAHKNQEYRPLLLTTKDGLTSYTSDAAAKSLYRKTN-----K-GELVFD	805
DSRS	TLHMGAAHKNQAYRALLSTTADGLAYYDTDENAPVAYTDAN-----GDLIFT	869
ASR	TLHMGKAHKNQLYRALVLSNDSGIDVYDSDDKAPTLRTNDNGDLIFHKTNFTFVKQDGTII	1002
GTFA	VLHMGAAHKNQYRAAVLTTTDGVINYTSQDGPVAMTDENGDLYLSSHNLVVNGK-EEA	824
	..** ***** ** . . . * . * * *	

14/17

Fig.4.3

GTFD	ASDIQGYLNPQVSGYLAVWVPVGASDNQDVRVAASNKANATG-QVYESSSALDSQLIYEG	864
DSRS	NESIYGVQNPQVSGYLAVWVPVGAQQDQDARTASDTTNTSD-KVFHSNAALDSQVIYEG	928
ASR	NYEMKGSNLALISGYLGWVPVGASDSQDARTVATESSSNDGSVFHSNAALDSNVIYEG	1062
GTFA	DTAVQGYANPDVSGYLAVWVPVGASDNQDARTAPSTEKNSGN-SAYRTNAAEDSNVIFE	883

-E1-

GTFD	FSNFQDFVTKDSDYTNKKIAQNVLKFSWGVTSFEMAPQYVSSDGD-----SFLDSIIQN	919
DSRS	FSNFQAFATDSSEYTNVVI AQNADQFKQWGVTSFQLAPQYRSTDT-----SFLDSIIQN	983
ASR	FSNFQAMPTSPEQSTNVVIATKANLFKELGITSFELAPQYRSSGDTNYGGMSFLDSFLNN	1122
GTFA	FSNFVYTPTKESERANVRIAQNADFFASLGFTSFEMAPQYNSSKDR-----TFLDSTIDN	938
	**** * * ** * * *** . **** ** * . **** . *	

AS

134GLTYLHMP142

--R1--

--E2--

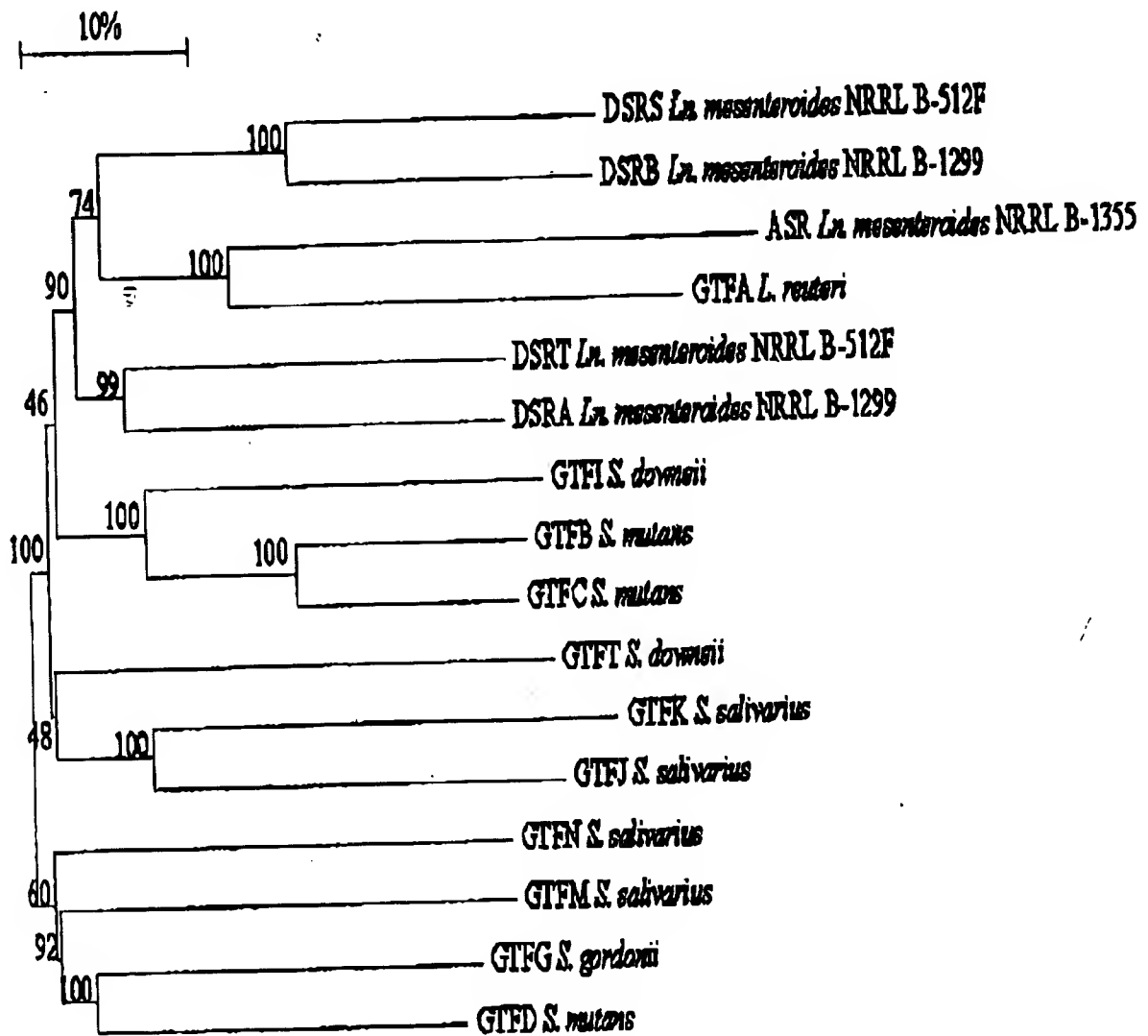
GTFD	GYAFEDRYDLAMSKN--N----	KYGSQQDMINAVKALHKSGIQVIADWVPDQ	965
DSRS	GYAFTDRYDLGYGTP--T----	KYGTADQLRDAIKALHASGIQAIADWVPDQ	1029
ASR	GYAFTDRYDLGFNKADGNPNPTKYGTDQDLRNAIEALHKNGMQAIADWVPDQ		1174
GTFA	GYAFTDRYDLGMSEP--N----	KYGTDEDLRNAIQALHKAGLQVMADWVPDQ	984
	**** *	***. . *. *** *. * .*****	

AS

190DFITNH195

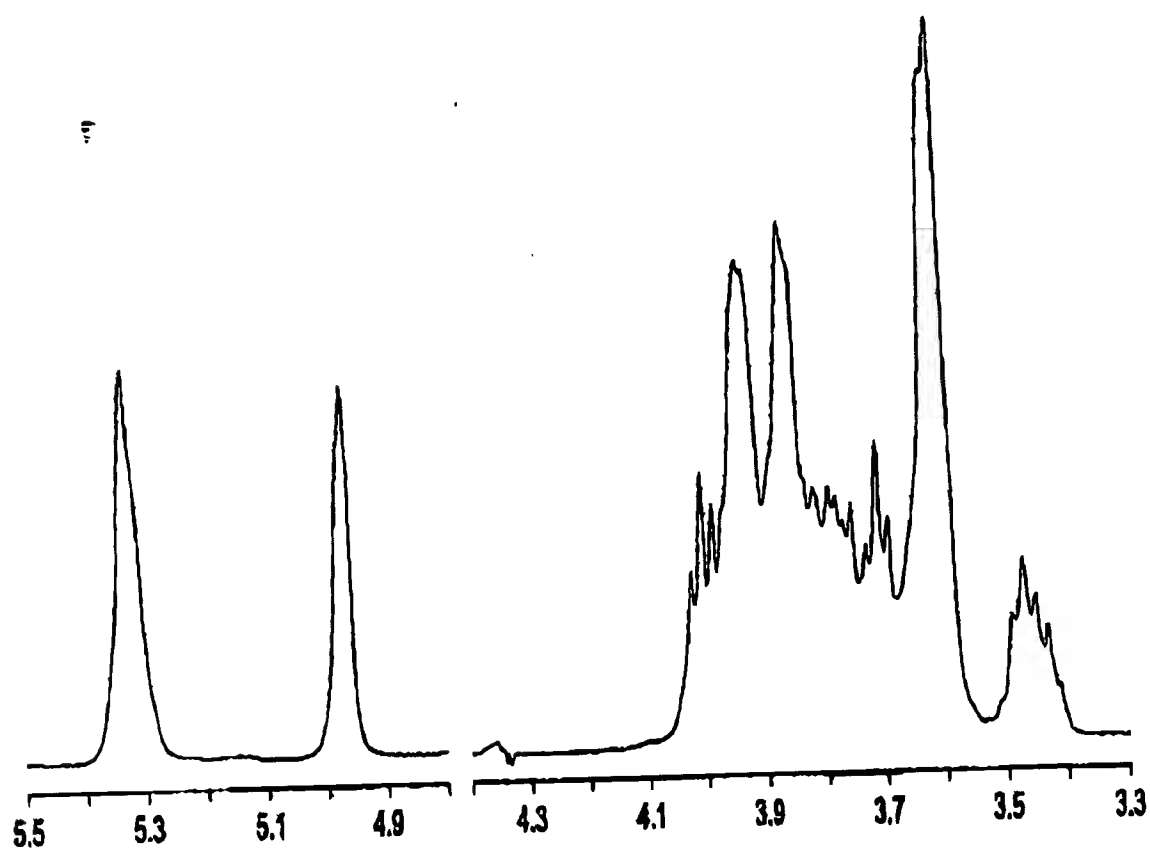
-----H2----- ---E3---

Fig.5



0.05 0.1 0.2 0.3 0.4 0.5 0.6 0.7 0.8 0.9 1.0

16/17

Fig.6a

0999747 6425550

17/17

Fig.6_b

090749.4304
"0634" 542560

